



HAL
open science

Unité de recherche en génomique végétale

Rapport Hcéres

► **To cite this version:**

Rapport d'évaluation d'une entité de recherche. Unité de recherche en génomique végétale. 2009, Université Evry-Val-d'Essonne - UEVE, Institut national de la recherche agronomique - INRA. hceres-02032200

HAL Id: hceres-02032200

<https://hal-hceres.archives-ouvertes.fr/hceres-02032200v1>

Submitted on 20 Feb 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



agence d'évaluation de la recherche
et de l'enseignement supérieur

Section des Unités de recherche

Rapport d'évaluation

Unité de recherche en génomique végétale (URGV)
de l'Université d'Evry – Val d'Essonne



mars 2009



agence d'évaluation de la recherche
et de l'enseignement supérieur

Section des Unités de recherche

Rapport d'évaluation

Unité de recherche en génomique végétale (URGV)
de l'Université d'Evry – Val d'Essonne

Le Président
de l'AERES

Jean-François Dhainaut

Section des unités
de recherche

Le Directeur

Pierre Glorieux

mars 2009



Rapport d'évaluation

L'unité de recherche :

Nom de l'unité : Unité de recherche en génomique végétale (URGV)

Label demandé : UMR_A

N° si renouvellement : 1165

Nom du directeur : M. Héribert HIRT (nouveau) ; M. Michel CABOCHE (précédent)

Université ou école principale :

Université d'Evry-Val d'Essonne

Autres établissements et organismes de rattachement :

INRA

CNRS

Date(s) de la visite :

3 - 5 décembre 2008



Membres du comité d'évaluation

Président :

M. Jacques JOYARD, CNRS, Grenoble

Experts :

M. Frédéric GAYMARD, INRA, Montpellier

M. Wilhelm GRUISSEM, ETH Zurich (absent lors de la visite pour raison de santé)

M. Francis MARTIN, INRA, Nancy

M. Jacques NICOLAS, INRIA, Rennes

M. Bernd WEISHAAR, Université de Bielefeld, Allemagne

Expert(s) représentant des comités d'évaluation des personnels (CNU, CoNRS, CSS INSERM, représentant INRA, INRIA, IRD.....) :

M. Jean-Marc DERAGON, CoNRS

M. Alain PALLOIX, CSS INRA

M. Olivier PANAUD, CNU

Observateurs

Délégué scientifique de l'AERES :

M. Alain PUGIN

Représentant de l'université ou école, établissement principal :

M. Richard MESSINA, Président de l'université d'Evry-Val d'Essonne

Mme. Jeanine TORTAJADA, VPCS, université d'Evry-Val d'Essonne

Représentant(s) des organismes tutelles de l'unité :

Mme. Hélène LUCAS, chef du département GAP, INRA

M. André LEBIVIC, DSA SDV CNRS

Mme. Dominique EXPERT, chargée de mission pour la biologie végétale, CNRS



Rapport d'évaluation

1 • Présentation succincte de l'unité

L'URGV est de création récente : la décision de créer une unité INRA dédiée à la génomique végétale sur le site de Génopole®, à proximité du Génoscope, s'est concrétisée en Janvier 2000. L'association au CNRS (sous forme d'une FRE, puis d'une UMR) date de 2001. L'URGV est aussi contractualisée avec l'Université d'Evry - Val d'Essonne (UEVE) et participe à l'école doctorale de cette université.

En 2007, l'URGV était constituée par 42 personnels INRA (14 chercheurs et 28 ITA), 8 CNRS (4 chercheurs et 4 ITA) et 2 MCF de l'UEVE auxquels s'ajoutaient 20 personnels non permanents (6 étudiants en thèse, 8 post-docs et 14 CDD). Le personnel CNRS a été divisé par 2 l'an dernier avec le départ de l'équipe Epigénomique, essentiellement constituée de personnels CNRS. Ainsi, au 15 octobre 2008, il y avait dans l'unité 66 personnes, dont 17 chercheurs et enseignants-chercheurs (dont 10 sont titulaires -ou ont l'équivalence- de l'HDR), 17 doctorants et post-docs et 32 personnels «support» (dont 4 administratifs et 11 ingénieurs). Au 1er janvier 2010, participeront au projet d'unité 16 chercheurs et enseignants - chercheurs (2 EC d'Evry, 12 C de l'INRA et 2 C du CNRS). Parmi ces 16 permanents, 9 sont HDR et tous sont publiants.

Au cours du contrat en cours, seulement 5 thèses ont été soutenues par des étudiants de l'URGV (3 allocataires de recherche + 1 BDI + 1 contrat Génoplante). Tous ont publié, et en général les soutenances de thèse ont eu lieu dans la 4ème année de recherche. Trois de ces étudiants sont en stage post-doctoral (Angleterre, Espagne, Suisse), un est ATER à l'UEVE. Actuellement, 9 étudiants préparent leur thèse à l'URGV. Tous sont financés (8 allocataires de recherche + 1 bourse Marie Curie).

Dirigée depuis sa création par Michel Caboche, l'URGV est désormais placée sous la direction de Héribert Hirt (Anne-Françoise Adam-Blondon est directrice adjointe). Ce changement de direction date d'un an environ.

2 • Déroulement de l'évaluation

Le comité a travaillé à partir du rapport écrit de l'unité puis des auditions des responsables d'équipe lors de la visite. Le rapport écrit est un document volumineux dans lequel les informations de nature administrative diluent les parties scientifiques qui deviennent de ce fait difficiles à analyser. Ce n'est bien évidemment pas de la responsabilité de l'unité, mais le document qui est demandé aux laboratoires gagnerait à être simplifié. Le comité aurait apprécié une présentation écrite mieux intégrée de la recherche faite à l'URGV ainsi que des projets pour le prochain contrat quadriennal. En effet, le rapport est constitué de longues listes de thèmes parfois très distincts, correspondant aux nombreux contrats de l'unité, et donc peu ou mal intégrés. De la même manière, les perspectives présentées étaient souvent à relativement court terme et très clairement liées aux contrats en cours.

La visite s'est déroulée sur 3 jours. Elle a combiné des présentations (suivies de discussions) par les directeurs (le bilan par l'ancien directeur, le projet par le directeur actuel et l'organisation par la directrice adjointe), par les responsables d'équipes, des visites de locaux et plates-formes et des rencontres avec les membres de l'unité et les représentants des tutelles.

La durée des présentations était largement suffisante pour donner une bonne vision des travaux réalisés par chaque équipe. Les échanges avec les chercheurs ont été de qualité. Là encore, les perspectives (en général très solides) présentées par chaque équipe étaient limitées à la durée des financements obtenus pour réaliser les projets. La vision à long terme de l'unité et des équipes se limitant au souhait de développer des thèmes de



recherche en biologie des systèmes, sans qu'il soit vraiment clair si tous les membres de l'unité donnaient le même sens à ces mots.

Les rencontres avec les personnels (ITA, thésards et post-docs, chercheurs) ont été très informatives pour comprendre le fonctionnement, les difficultés rencontrées et les inquiétudes quant à l'évolution du contexte général de la recherche et en particulier des partenariats entre les diverses tutelles.

Le travail de synthèse-discussion du comité en réunion restreinte s'est déroulé tout au long de la visite.

3 • Analyse globale de l'unité, de son évolution et de son positionnement local, régional et européen

L'URGV a été créée par l'INRA afin de développer en France la génomique structurale et fonctionnelle sur les modèles végétaux. Ses missions étaient de mettre en place des plates-formes de génomique pour les unités INRA, de produire des ressources génomiques pour l'ensemble de la communauté scientifique nationale, aussi bien sur les espèces modèles et les plantes cultivées. L'URGV a su maintenir un très bon équilibre dans ses activités de recherche entre ces deux types de plantes. La production de ressources génomiques et l'importance de maintenir l'équilibre avec les travaux sur les espèces modèles expliquent l'implication du CNRS. La vocation nationale de l'URGV a donc été affirmée dès sa création et l'unité a su mener une politique forte afin de doter les équipes françaises d'outils génomiques de premier plan. Elle a été très largement soutenue dans cet effort par le programme Génoplante, sur l'espèce modèle *Arabidopsis* et sur les espèces cultivées. La réalisation de ces différents objectifs confère à l'URGV un statut de pôle de référence en génomique végétale, unique comparé à d'autres instituts de recherche sur les plantes en France et en Europe. Cette importance est mise en évidence par la qualité des partenariats européens à travers les projets initiés dans un premier temps avec le programme allemand de génomique GABI, puis avec l'ensemble des acteurs européens et internationaux dans le domaine de la génomique.

L'évolution de l'URGV au cours de ces dernières années a vu la montée en puissance des travaux sur les espèces cultivées et la réussite des recherches de type translationnel des espèces modèles vers les espèces cultivées. Même si, là encore, cette évolution a très largement été accompagnée par Génoplante et l'ANR, le succès de cette stratégie doit être souligné avec force.

En terme de production scientifique, au cours des 4 dernières années, on peut noter des articles de premier plan dans des revues généralistes (*Science, Nature, PLoS Genet, PLoS Biol, Genes & Dev, Curr Opin Plant Biol, Genomics, etc.*) ou du domaine des sciences végétales (*Plant Cell, Plant J, etc.*). Au total 93 publications et 79 articles dans des ouvrages ont été produits par les équipes de l'URGV. La dynamique relevée à la fin du dernier contrat quadriennal est confirmée et clairement illustrée par l'augmentation significative du nombre des publications (2 fois plus d'articles) ; l'excellence étant maintenue à son meilleur niveau : dans une sélection des 10 articles les plus significatifs de l'activité de l'unité au cours des 4 dernières années, l'URGV met en avant 2 *Science*, 1 *Nature*, 2 *Plant Cell*, 1 *PLoS Genet*, 1 *PLoS One*, 3 *Plant J*.

L'URGV occupe ainsi une position très forte sur le plan national et sur le plan international, comme en témoignent :

- la qualité de sa production scientifique (bonne à excellente selon les équipes considérées) ;
- l'importance et la qualité des outils développés par les équipes de l'unité pour l'ensemble de la communauté scientifique (CATMA, FlagDb++, puces CHIP-Chip, Tiling arrays, ORFeome, banques BAC, etc.) ;
- la création de ressources génomiques de premier plan, puis leur transfert vers le centre national de ressources génomique de Toulouse ;
- son activité de valorisation (6 brevets, 3 logiciels enregistrés, 8 contrats impliquant un partenaire industriel) ;
- son rayonnement national et international (participations aux conférences, collaborations, coordination de projets en partenariat, etc.).

Clairement positionnée au niveau national et international, l'unité a également su exploiter son environnement tant au niveau local qu'au niveau régional.



Dans le contexte local, l'unité a développé des liens forts avec les unités de génomique de Génopole[®], en particulier le Génoscope avec qui a été réalisé le séquençage de la vigne, et l'équipe de protéomique de l'UEVE où des investissements communs ont été réalisés. Le choix fait à Evry, tant à Génopole[®] qu'à l'UEVE (avec le soutien du CNRS), de développer la *biologie des systèmes* devrait être l'occasion pour l'unité (qui affiche clairement cette stratégie dans ses objectifs pour les années qui viennent) de renforcer son implantation locale et par là même de se positionner au premier plan dans ce domaine très compétitif.

Au plan régional, l'URGV fait partie du réseau **PLANTnet PARIS** regroupant 13 unités de Biologie végétale relevant de 4 tutelles (INRA, CNRS, Université Paris 11, AgroParisTech) sur le sud de la région parisienne (Evry, Gif sur Yvette, Grignon, Orsay, Versailles). L'effectif total de ce réseau est actuellement d'environ 900 personnes, dont 600 permanents et 130 thésards. Ce réseau constitue le pôle thématique *Sciences et Productions Végétales* du PRES *UniverSud Paris*. Il donne une meilleure visibilité à la biologie végétale au niveau régional.

Il faut aussi souligner la permanence et la qualité des liens avec les laboratoires de la station INRA de Versailles.

4 • Analyse équipe par équipe et par projet

Equipe Epigénomique et épigénétique d'Arabidopsis

Bilan 2004-2008. Les travaux développés par l'équipe *Epigénomique et épigénétique d'Arabidopsis* (2 chercheurs CNRS, 1 professeur Paris 7, 2 ITA CNRS ; 1 thésard et 5 CDD au cours du contrat) sont à la fois originaux et d'une très grande qualité scientifique. Au cours des quatre dernières années, cette équipe a produit des contributions majeures concernant les régulations épigénétiques chez *Arabidopsis thaliana*. Elle a bénéficié de nombreux contrats (4 ANR Génoplante, 1 ANR blanche) et est membre du réseau d'excellence « The Epigenome ».

Dans un premier temps, l'équipe a participé de façon significative à l'effort international pour établir par des approches génomiques une image claire du relief épigénétique du génome d'*Arabidopsis*. En utilisant des outils génomiques de pointe et en collaboration avec des acteurs clés sur la scène internationale, l'équipe a réussi à produire une quantité importante de données sur la distribution des marques épigénétiques au niveau de l'ADN et la chromatine sur un des chromosomes d'*Arabidopsis*. Ces travaux ont été poursuivis par l'équipe et ont permis de poser des hypothèses très intéressantes concernant la stabilité des épimutations et ceci en fonction de la présence ou non de familles de séquences répétées et de leur ciblage ou non par de petits ARN non-codants de 24 nucléotides (hcsiRNA). Ces avancées récentes (en cours de publication à la date de l'évaluation) sont d'une grande qualité et devraient avoir un impact majeur sur le domaine. Finalement, l'équipe s'est attaquée à démontrer l'importance de la contribution des épimutations aux variations phénotypiques. Ce projet est très ambitieux et comporte une importante prise de risque, mais aborde pour la première fois les questions cruciales de l'importance des épimutations dans la variation phénotypique naturelle et de leur prise en compte dans les protocoles d'amélioration variétale. L'équipe a investi beaucoup d'énergie dans ce projet en établissant des lignées recombinantes ne se distinguant que par une variation de marques épigénétiques. Plusieurs problèmes restent à évaluer et à surmonter (importance de la variabilité ADN naturelle dans les lignées recombinantes produites, niveau de variation généré par les éléments transposables lors de la création des lignées...). Néanmoins, il est clair que l'équipe pourra tirer de cette approche des informations significatives sur les mécanismes d'apparition et la stabilité des épimutations.

En conclusion, cette équipe a développé au cours des quatre dernières années des projets innovants utilisant des technologies génomiques de pointe qui ont permis des avancées remarquables dans le domaine, comme en témoigne son excellente production scientifique avec des articles parus dans *Nature*, *PLoS Genet* (2), *PLoS Biol*, *Genes & Dev*, *Curr Opin Plant Biol*, *Genomics*, etc... et le dépôt d'un brevet (US).

L'équipe *Epigénomique et épigénétique d'Arabidopsis* fait partie des quelques équipes *de référence* sur la scène internationale dans le domaine de l'étude des mécanismes épigénétiques chez les plantes.



Projet 2008-2011. Cette équipe est désormais installée à l'ENS où elle poursuit son activité avec les mêmes objectifs et avec le même rythme de publication dans des journaux de premier plan. Le projet n'a pas été évalué.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
NN	A+	A+	NN	NN

Equipe MAP kinases & Phosphoprotéome

L'Equipe *MAP kinases & Phosphoprotéome* regroupe 4 permanents INRA (1 DR, 1 CR, 1 Ingénieur et 1 technicien) ainsi que 1 thésard et 3 post-docs (2 CNRS & 1 INRA).

Bilan 2007-2008. L'équipe développe trois projets de recherche centrés autour de la signalisation des réponses aux stress chez les plantes. Le premier projet est l'identification des protéines phosphorylées chez *Arabidopsis* par une approche de phosphoprotéomique, et l'identification des rôles des kinases (MAP kinases en particulier) intervenant dans les réseaux de régulation (modélisation de type réseaux de gènes). Les deux autres projets sont centrés sur les stress biotiques : interactions d'*Arabidopsis* avec *Agrobacterium* et *Salmonella*. Ces deux dernières études bénéficient des résultats obtenus par la première approche en termes de réseaux de signalisation, rôles des kinases et des cibles phosphorylées.

Bien que de création récente, l'équipe a poursuivi dans la lignée des travaux antérieurs de son leader avec une excellente production scientifique (7 articles originaux dans des revues de très bon niveau, dont *Science*, *Plant Cell*, *PLoS One*, *Current Biol.*, *Plant J.*, *MPMI*, etc...). Ces réalisations placent le groupe comme l'un des leaders mondiaux dans les domaines des réseaux de signalisation, les MAP kinases et les réponses aux stress biotiques et abiotiques. Les deux programmes sur les stress biotiques ont un impact important aussi bien en termes de productions génériques qu'en termes d'applications (compréhension des mécanismes de recombinaison dans le cas d'*Agrobacterium* et santé humaine et qualité des aliments dans le cas de *Salmonella*).

Projet 2008-2011. Les perspectives de recherche de l'équipe sont dans la continuité des trois programmes actuellement en cours. Ces programmes de recherche sont parfaitement dimensionnés aux moyens humains disponibles. Le renforcement des études de phosphoprotéomique et de modélisation des réseaux de gènes est pertinent, de même que le développement des approches de biologie des systèmes sur les réseaux de régulation (en particulier dans le contexte local). Le comité engage l'équipe, déjà bien positionnée au niveau international, à évaluer l'opportunité de collaborations avec des équipes françaises travaillant sur des thématiques proches, en particulier avec des équipes travaillant en santé humaine et/ou en santé des plantes. Les applications potentielles des travaux sur *Agrobacterium* et *Salmonella* sont de première importance (mécanismes de recombinaison, santé humaine et qualité des aliments).

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A+	A+	A+	NN	A+

Equipe Transcriptome

Bilan 2004-2008. L'équipe Transcriptome (2 chercheurs INRA et 4 ingénieurs ou techniciens, 1 thésard ; 7 CDD participent ou ont participé aux travaux durant le contrat actuel) est spécialisée dans l'analyse du transcriptome d'*Arabidopsis* et des plantes d'intérêt agronomique. Elle a développé une plateforme unique en Europe regroupant la construction d'une puce à ADNC (CATMA), l'utilisation de cette ressource et l'analyse experte des données. En collaboration étroite avec de nombreux laboratoires nationaux et internationaux,



cette ressource transcriptomique a été exploitée de façon efficace dans le cadre d'un soutien fort de Génoplante ainsi que de projets ANR et européens. Ces données d'expression de premier plan par leur homogénéité ont été mises à disposition à travers la base de données CATdb (pas moins de 88 projets actuellement) couplée à FLAGdb++ (cf. Equipe Bioinformatique et Statistique) ainsi que la base CATMA GST référencée dans TAIR et produite dans le cadre du projet européen CAGE. De telles bases pourraient maintenant faire utilement l'objet d'un contrat de transfert vers l'URGI pour libérer des ressources dans le laboratoire et assurer leur visibilité renforcée dans un cadre intégratif tel que Genevestigator V3. De nouveaux outils sont développés, telle qu'une puce de type tiling array (TAG) pour l'analyse CHIP-chip (cf. Equipe Epigénomique) et la microdissection laser. Les nombreuses publications en résultant ont affermi encore davantage la notoriété nationale et internationale de ce groupe. Il a su mettre à profit son expertise technologique et développer une interaction privilégiée avec l'équipe de Bioinformatique et Statistique pour produire des données de qualité, disponibles pour des besoins internes ou externes. L'équipe et notamment son animateur ont fait preuve d'une réactivité et d'un dynamisme remarquables en coordonnant ou en participant à de nombreux projets internationaux se soldant par des articles publiés dans les meilleures revues de la discipline. La production scientifique est de qualité (Plant J, Plant Physiology, J Biol Chem, Plant Cell, PLoS One, etc.). C'est dire que cette équipe a complètement rempli sa mission d'origine, d'interface avec la communauté scientifique, en particulier nationale en biologie végétale. L'équipe Transcriptome doit cependant veiller à distinguer parmi les thèmes de recherche qu'elle affiche ceux qui relèvent des équipes avec qui elle collabore des questions que les chercheurs de l'équipe souhaitent aborder dans le cadre de leur activité propre.

Pour conclure, le projet de fusion de l'équipe avec l'équipe Analyse fonctionnelle des familles de gènes chez *Arabidopsis* devrait être l'occasion pour l'équipe Transcriptome de réfléchir à son positionnement et son organisation par rapport aux trois défis auxquels elle doit faire face, à savoir :

- Le développement de problématiques scientifiques propres ;
- Le développement d'une expertise de haut niveau en analyse de données d'expression des gènes ;
- L'activité de plate-forme au service de la communauté (plate-forme labellisée).

Par son expertise de premier plan, l'équipe joue un rôle moteur dans le développement des outils indispensables à l'analyse pertinente des données de puces à ADN du transcriptome végétal. Elle se doit de conserver ce leadership en développant rapidement une expertise dans le domaine du séquençage à haut débit, pyroséquençage 454 et RNA-Seq (Illumina-Solexa), dédié à l'étude du transcriptome afin de continuer à servir de consultant. Le retard national est patent sur ces technologies qui permettent d'accéder à des données d'expression beaucoup plus fines (niveaux d'expression faibles), et cette équipe est l'une des rares à pouvoir valider ces nouveaux outils d'analyse. Des partenariats sont certainement à rechercher avec le Génoscope qui est en phase d'équipement et dont la présence est un atout pour le maintien de l'URGV sur le site.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A	A	A	NN	B

Equipe Analyse fonctionnelle des familles de gènes chez *Arabidopsis*

Bilan 2004-2008. L'équipe *Analyse fonctionnelle des familles de gènes chez Arabidopsis* a subi des restructurations importantes au début de l'année 2006 avec le départ de son responsable pour l'Australie. Elle est actuellement constituée par 1 CR et 2 TR INRA, elle est renforcée par deux ingénieurs (CDD Agron-Omics) et un thésard. Cette équipe a pour mission de produire des outils permettant les études de génomique fonctionnelle à haut débit afin d'accélérer la caractérisation des fonctions des gènes chez *Arabidopsis*. Ces méthodologies ont été appliquées à l'élucidation de la fonction de la famille multigénique des gènes codant les PPR chez *Arabidopsis thaliana*.

La création d'outils de génomique fonctionnelle (clonage des ORF, extinction systématique de l'expression des gènes, études des interactions protéines- protéines), a été réalisée dans le cadre de nombreux contrats nationaux et européens (Projets Atome, Agrikola, Agron-Omics en particulier). Ces différents outils sont bien



distribués à la communauté scientifique (via le NASC, CNRG à Toulouse). L'équipe a en particulier développé un réseau de collaborations fructueuses en France (Versailles, Gif, Montpellier) et à l'international (Ghent, San Diego) permettant une bonne valorisation des outils créés.

Concernant l'étude des fonctions des gènes PPR, les travaux ont été publiés dans des revues de premier plan (6 publications au cours de la période, dont *Plant Cell*, *Plant J.*, *FEBS Lett.*, etc...). En bilan, la production scientifique et technologique de l'équipe au cours du quadriennal est bonne.

L'équipe a décidé de fusionner avec l'équipe *Transcriptome*, afin de focaliser ses efforts sur un projet commun (voir *Projet d'équipe Génomique fonctionnelle d'Arabidopsis*). Ce rapprochement nous semble pertinent. La faible taille du groupe actuel est en effet peu compatible avec la poursuite de sujets de recherche trop nombreux dans lesquels le leadership n'appartient pas toujours aux membres actuels de l'équipe.

Projet d'équipe Génomique fonctionnelle d'Arabidopsis

Projet 2008-2011. Lors du prochain contrat, l'équipe *Transcriptome* et l'équipe *Analyse fonctionnelle des familles de gènes chez Arabidopsis* constitueront une équipe commune intitulée *Génomique fonctionnelle d'Arabidopsis*. Ce regroupement permettra d'associer l'analyse des interactions entre protéines (nouveau thème de recherche développé à l'URGV) aux données d'expression des gènes. Cette équipe renforcée est bienvenue pour relever efficacement les défis posés par l'intégration des importantes ressources génomiques, transcriptomiques et protéomiques générées. Comme pour plusieurs équipes de l'URGV, la difficulté réside certainement dans un choix pertinent d'un nombre limité de questions biologiques sur lesquelles focaliser les efforts, car paradoxalement le succès de l'intégration est lié au niveau d'expertise qui peut être développé sur un thème particulier. L'étude de l'interactome protéique d'*Arabidopsis* est un domaine vaste et très compétitif : l'équipe se propose d'étudier en particulier les gènes orphelins annotés par Eugène mais il semble clair que des choix supplémentaires devront être effectués en fonction de l'état de l'art international afin de garantir une production scientifique au plus haut niveau. Par exemple, l'important projet européen Agron-Omics offre l'opportunité de concentrer les travaux sur les tissus spécifiques de la feuille.

Le comité suggère à l'équipe de s'assurer si les recherches sur les PPR, menées en collaboration avec M. Ian SMALL, pourront continuer avec des moyens humains raisonnables à l'avenir. Si les résultats obtenus sont importants et de qualité, l'équipe doit veiller à son autonomie et à ne pas devenir uniquement un collaborateur de Ian Small qui, lui, est clairement identifié comme leader dans le domaine. Il faudrait donc regarder de près si d'autres familles protéiques issues de la mise en place du groupe sur les kinases ne peuvent pas constituer une opportunité scientifique alternative intéressante globalement pour le laboratoire et en particulier pour l'équipe.

Pour conclure, cette nouvelle équipe regroupera les qualités et les compétences techniques et scientifiques indispensables pour relever de nombreux défis scientifiques et mettre à la disposition de la communauté scientifique (en particulier généticiens et améliorateurs) les outils à haut débit nécessaires. Comme nous l'avons déjà souligné, l'équipe doit cependant réfléchir à son organisation afin d'être en mesure d'atteindre ces objectifs qui sont liés à la mission spécifique de l'URGV. Elle devra aussi faire un effort particulier pour ajuster ses divers projets de recherche avec les ressources humaines qu'elle sera en mesure de mobiliser au cours du prochain contrat.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
B	A	B	NN	B

Equipe Bioinformatique & statistiques

Bilan 2004-2008. L'équipe *Bioinformatique et statistiques* (3 chercheurs -1 CNRS, 2 INRA-, 3 ingénieurs INRA, 2 thésards, 1 post-doc), est une équipe clé dans le fonctionnement du laboratoire car elle assure une triple mission : de service aux autres composantes, de conseil et de transfert de l'activité sur le modèle *Arabidopsis* vers les autres plantes, et enfin de recherches méthodologiques propres.



Sur la période d'évaluation la base de données génomiques FLAGdb** a été maintenue et la base CATdb de données transcriptomiques développée de manière compatible. Ces bases et les pipe-lines de traitement et bases associés (GeneFarm, UTILLdb...) ont joué un rôle de diffusion et d'intégration important dans la communauté plantes nationale et européenne. CATdb est en particulier un des résultats marquant du projet européen CATMA/Cage. La maintenance de ces bases par l'URGV ne nous paraît plus indispensable et elles pourraient par exemple faire l'objet d'un contrat de transfert vers l'URGI pour assurer leur visibilité renforcée à l'international (dans un cadre intégratif tel que Genevestigator V3 ?), et libérer des ressources dans le laboratoire pour les nouveaux défis qui se présentent en Biologie des systèmes.

L'équipe a su s'entourer de collaborations pertinentes (AgroParisTech et INRIA Saclay pour les aspects statistiques et BIA INRA Toulouse pour les aspects d'annotation), et sa production scientifique est de bon niveau (*BMC Genomics*, *Bioinformatics*, NAR, *BMC Evolutionary Biology*...). Elle a également très bien rempli son rôle de passerelle pour diffuser les connaissances élaborées dans le cadre de l'espèce modèle *Arabidopsis* (riz, vigne, blé, *Medicago*) et la comparaison de génomes a été en particulier à la base d'une belle étude sur la fonction de gènes uniques *Arabidopsis*/Riz dans les plantes cultivées (article « Highly accessed » dans *BMC Evolutionary Biology*). Certaines interactions/ coopérations locales mériteraient d'être précisées pour plus d'efficacité : lien avec l'URGI pour tous les aspects bioinformatiques qui peuvent être centralisés, lien avec le Génoscope pour les aspects de séquençage haut débit qu'il faut anticiper dès maintenant, lien avec IBISC et AMIS-Bio à Evry en ce qui concerne la biologie systémique, tant en recherche qu'en enseignement.

Projet 2008-2011. Le projet d'équipe pour le prochain quadriennal est peu développé. Il devrait être naturellement orienté vers des études plus intégrées à partir des données génomiques, d'expression et d'interaction. Parmi les axes évoqués, nous voudrions encourager le renforcement au sein de cette équipe de compétences sur la modélisation qualitative de réseaux d'interactions au sens large. La constitution, au sein de l'unité, d'une nouvelle équipe sur le thème de la biologie des systèmes ne nous semble pas optimale. L'équipe de Bioinformatique reste le meilleur endroit pour développer des outils de modélisation et son expérience de l'exercice de médiation sera cruciale pour coordonner la formalisation des questions biologiques et de la connaissance que la biologie des systèmes implique. Il faudrait d'abord envisager l'évolution des missions de l'équipe de bioinformatique sur ce point, avec en fonction des moyens un renforcement de personnel pour accélérer la transition, mais également la recherche de bonnes collaborations nationales et internationales (Aracyc, Metnet, MPI). Les discussions nous conduisent à recommander des compétences plutôt sur des aspects symboliques : recherche de motifs, modélisation de graphes d'interaction. La difficulté sera de focaliser les recherches sur des systèmes bien délimités où la compétition internationale n'est pas trop rude : les gènes orphelins sont un champ possible mais où, par définition, l'intégration de multiples sources de données n'est pas évidente. Se focaliser sur certaines voies de signalisation avec un rôle important des modifications post-traductionnelles semble une bonne idée mais il reste à préciser les questions scientifiques en fonction des autres intérêts/compétences du labo : stress biotique ou abiotique, tissu privilégié, comparaison d'états d'équilibres ou étude de la dynamique ? L'expérience pratique de l'équipe de bioinformatique combinée aux sources originales de données produites par le laboratoire en transcriptomique et signalisation forme un environnement très favorable qui devrait permettre de relever ces défis.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A	A	A	NN	B

Equipe Génomique de la vigne

Bilan 2004-2008. L'équipe *Vigne* est constituée de 2 chercheurs (INRA et CNRS), 4 ITA (3 INRA & 1 CNRS), 1 doctorante, 2 post-docs et 4 CDD ont participé aux divers travaux de l'équipe qui étudie la structure et l'évolution du génome de la Vigne. Les résultats les plus marquants de ce groupe ont été obtenus collectivement avec d'autres laboratoires nationaux et internationaux, mais ils reposent sur l'intense activité qu'a développée l'équipe pour la création de ressources génétiques et génomiques sur la Vigne : cartes génétiques, banques BAC, ancrage des cartes physiques et génétiques, construction de banques d'ADNc pleine longueur. En collaboration étroite avec le Génoscope, l'URGI, et un consortium franco-italien, ces ressources ont été exploitées de façon décisive afin de séquencer et analyser le génome de la Vigne. Ces travaux ont



clairement contribué à affermir encore davantage sa notoriété nationale et internationale. L'équipe a su mettre à profit son expertise technologique et l'environnement scientifique pour la production de ces ressources : elle a fait preuve d'une réactivité et d'un dynamisme remarquable en coordonnant ou en participant à ce très gros projet international qui se solde par des articles publiés dans des revues majeures. La production scientifique de l'équipe est très bonne (*Nature, BMC Plant Biol, BMC Genomics, Funct Integr Genomics, TAG, Plant J., etc.*). Des efforts notables ont également été déployés dans la diffusion des connaissances vers le grand public ou les milieux professionnels. L'équipe a obtenu un grand nombre de contrats nationaux et internationaux dans le cadre de nombreuses collaborations.

L'équipe occupe une place centrale dans le réseau Vigne français, qui comprend plusieurs équipes INRA spécialisées ainsi que des professionnels. Elle joue également un rôle moteur dans la poursuite des programmes de recherche sur le génome de la vigne au niveau international. Des points de vue scientifique et partenarial, les objectifs assignés à l'équipe lors de sa fondation au sein de l'URGV sont très largement atteints. Les partenaires impliqués dans l'exploitation des ressources génétiques en vue d'étudier différentes cibles liées à la qualité de la baie et l'adaptation aux contraintes biotiques et abiotiques, devraient rapidement tirer bénéfice de leur collaboration avec l'équipe.

Projet d'équipe Génomique de la Vigne et des Arbres

Projet 2008-2011. Lors du prochain contrat, une nouvelle équipe *Génomique de la Vigne et des Arbres* regroupera les activités conduites sur la génomique de la Vigne et du Peuplier. Ce regroupement judicieux est justifié par la communauté de contraintes liées aux deux espèces, ainsi que les développements technologiques envisagés. Les méthodologies et les questions de recherches communes - structuration de la diversité génétique et génomique des caractères d'intérêt agronomique - faciliteront l'intégration. On peut s'attendre à ce que cette nouvelle équipe continue d'exploiter efficacement les importantes ressources génomiques générées. Le plus difficile est peut-être à venir : le choix des questions biologiques sur lesquelles focaliser les efforts, et l'intégration des données génomiques, biochimiques, physiologiques et écologiques au service d'une « *écogénomique fonctionnelle* » des interactions entre les microorganismes et espèces pérennes. L'équipe réunit beaucoup des qualités et compétences techniques et scientifiques nécessaires pour relever ces défis. Toutefois, il faudra veiller activement à concilier :

- *Les questions scientifiques*, en particulier l'identification d'allèles de résistance et l'analyse de leur diversité dans chaque groupe d'espèces. Cette thématique est développée en collaboration avec des partenaires plus impliqués sur l'aspect de gestion durable des résistances aux bioagresseurs. Les compétences de l'équipe sur les résistances génétiques et l'environnement scientifique de l'unité devraient leur permettre de s'approprier les questions de génomique fonctionnelle sur le thème.
- *Les approches de développement d'outils* : les cartes denses de SNP que développera l'équipe seront exploitées dans des objectifs variés par de nombreux partenaires différents s'investissant dans la validation de gènes candidats par utilisation du déséquilibre de liaison et de la génétique d'association.

La prise de risque est non négligeable dans le premier projet, sur les méthodes de clonage de nombreux paralogues de gènes de résistance autant que sur la validation fonctionnelle pour un nombre élevé d'allèles. Elle nécessite une évaluation de faisabilité des technologies chez les deux espèces.

Enfin, l'adéquation entre les moyens humains/matériels et les projets proposés semble cohérente actuellement avec la mise en place ou la participation aux projets affichés. Le comité souhaite que les développements en cours permettent d'intégrer des étudiants et d'investir dans la formation doctorale plus que par le passé. Il faudra améliorer l'encadrement scientifique restreint à une seule HDR. A ce titre, l'investissement de l'équipe dans la gestion collective de l'unité doit donc être strictement délimité et être compensé par la mise à disposition de moyens humains supplémentaires.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A	A	A+	NN	A



Equipe Organisation et évolution des génomes de plantes

Bilan 2004-2008 Les travaux développés sur le thème *Organisation et évolution des génomes de plantes* étaient organisés selon deux axes majeurs. Le premier concerne l'étude des effets à court et long terme de la polyploïdie sur les génomes de *Brassica* et de blé ; le second avait comme objectif de comprendre la résistance à la rouille chez le peuplier dans le contexte du programme génome du peuplier.

Sur le premier thème, l'équipe (1 chercheur INRA, 1 MCF UEVE, 2 ITA INRA ; 2 thésards, 1 post-doc et 2 CDD au cours du contrat) a fait bénéficier à plusieurs groupes de l'URGV et d'autres unités de l'INRA de ses compétences en matière de construction de banques à larges inserts. Ainsi, le rôle d'incubateur joué par cette équipe pour divers projets de l'URGV a été reconnu avec force par les autres équipes de l'unité et doit être souligné. Cette production de ressources incontournables pour les programmes de génomique végétale a ainsi permis de positionner l'INRA de manière centrale pour plusieurs espèces, comme le blé et la vigne. Pour le blé en particulier, ce groupe a été à l'origine du choix de développer des banques chromosome-spécifique, comme celle du chromosome 3B. Cette banque est considérée par toute la communauté des génomiciens du blé comme une avancée significative pour le séquençage du génome de l'espèce. De fait, et pour ce qui concerne le modèle blé, l'équipe a acquis une notoriété incontestable dans le domaine de la génomique structurale et évolutive et l'approche de génomique comparative entre formes diploïdes et polyploïdes est pertinente. La problématique de recherche actuelle de l'équipe, développée récemment, concerne les effets à court et long terme de la polyploïdie chez les plantes (cf commentaires ci-dessous). Deux espèces ont été étudiées : *Brassica* et le blé. L'équipe a bénéficié de nombreux contrats (en particulier 5 ANR Génoplante ou GABI/Génoplante, 1 ANR blanche, 1 ANR Biodiversité). Sa production scientifique (*Plant Cell, Plant J, Nat Rev Genet, TAG, Genome Res, Genome, Mol Genet Genomics, Funct Integr Genomics, J Mol Evol...*) est à la hauteur de son positionnement au niveau international et reflète bien les nombreuses collaborations.

Sur le thème *Peuplier*, l'équipe (1 chercheur INRA, 1 thésard, 1 post-doc et 1 CDD au cours du contrat) a obtenu ses résultats les plus marquants collectivement avec l'INRA d'Orléans dans un programme visant à développer des résistances durables à l'agent pathogène de la Rouille du Peuplier ; ils reposent sur de solides ressources génétiques et génomiques : carte génétique, banques BAC, ancrage des cartes physiques et génétiques. Le clonage positionnel des gènes de résistance R1 et RUS devrait aboutir rapidement après des années d'effort. Ces travaux ont clairement contribué à améliorer la lisibilité du Réseau Génomique/Génétique peuplier de l'INRA au niveau international. L'équipe a su mettre à profit l'expertise technologique et l'environnement scientifique, disponible au sein de l'URGV, ainsi qu'à l'extérieur pour la production de ces ressources. La politique de publication n'est pas assez ambitieuse et il est indispensable de valoriser les résultats acquis dans les meilleures revues. A l'avenir, ce thème sera associé à celui de l'équipe Vigne au sein d'une même équipe *Génomique de la Vigne et des Arbres* (voir ci-dessus).

Projet 2008-2011. Pour le prochain contrat quadriennal, le programme proposé par l'équipe *Organisation et évolution des génomes de plantes* (qui correspond aux personnels impliqués dans le premier axe décrit ci-dessus) apparaît moins ciblé que lors du contrat précédent. D'une part, il couvre un large spectre de questions scientifiques : génomique structurale, épigénétique, régulation de l'activité des transposons, effet des événements de transposition sur l'expression des gènes, mécanismes de la domestication, etc. D'autre part il concerne plusieurs espèces végétales. Ne conviendrait-il pas de mieux focaliser les projets sur quelques thèmes mieux en continuité avec les questions étudiées précédemment ? Cette diversification thématique risque à terme d'isoler l'équipe au sein de l'URGV et de ralentir sa productivité scientifique.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A	A+	A	NN	B

Equipe Génomique fonctionnelle des espèces cultivées

Bilan 2004-2008. Cette équipe est composée d'un DR INRA, d'un CR1 CNRS, d'une MdC UEVE, de 2 IE, 3 AI et un TR. Au cours du dernier contrat quadriennal, elle a été renforcée par de très nombreux post-docs et CDD (environ 35 années d'ETP), ainsi que 6 étudiants en thèse, ce qui reflète l'importance des ressources



contractuelles (plus de 3 M€) que l'équipe a su obtenir. C'est donc (et de loin) numériquement le groupe le plus important de l'unité et il a été particulièrement actif et productif au cours du quadriennal.

L'équipe s'est concentrée sur le clonage de gènes d'intérêt agronomique, principalement sur des plantes non-modèles en génomique végétale, comme le melon, le piment ou le pois. Pour ce faire, deux « plateformes » ont été mises en place. Une plateforme de clonage positionnel et une autre consacrée au TILLING. Le comité tient à insister sur le fait que ces deux outils sont aujourd'hui parfaitement opérationnels et ont permis le clonage de gènes chez des espèces pour lesquelles on ne dispose que de peu de ressources génomiques. Ceci constitue une réelle avancée dans le domaine et la liste de publications de très haut niveau qui ont été produites en témoigne (*Science, BMC Mol Biol, BMC Plant Biol, Genome Biol, TAG, Plant J, MPMI, etc...*). Le travail sur le clonage et la caractérisation de deux gènes impliqués dans le déterminisme du sexe chez le melon est tout à fait exemplaire de l'intérêt de la stratégie mise en œuvre par l'équipe qui lui ont permis de réaliser des avancées majeures dans le domaine de la biologie végétale, la plaçant ainsi au premier plan international dans divers domaines. Par ailleurs, les brevets déposés par l'équipe témoignent aussi de la volonté de valorisation des recherches lorsque celles-ci peuvent être finalisées. En cela, l'équipe s'inscrit parfaitement dans la mission initiale de l'URGV, à savoir le développement de concepts, d'outils et de ressources en génomique végétale pour l'appui à la recherche sur les plantes d'intérêt agronomique. Ces développements sont menés sous forme de collaborations étroites avec les laboratoires partenaires et non sous forme de service. Il faut également souligner que l'équipe a su développer des liens de collaboration avec le secteur privé dans le domaine de la semence et des biotechnologies végétales.

Pour cela, l'ensemble de l'équipe ne peut qu'être très félicité aussi bien pour la pertinence des choix stratégiques que pour l'importance et l'originalité des résultats obtenus.

Projet 2008-2011. Pour le prochain contrat quadriennal, cette équipe propose une nouvelle structuration en trois groupes. Le premier, animé par l'actuel responsable de l'équipe, d'une part continuera ses activités de clonage positionnel en collaboration avec d'autres laboratoires de l'INRA et d'autre part se consacrera à l'étude du déterminisme sexuel chez les cucurbitaceae. Il s'agit d'un choix judicieux, puisque cette équipe vient de publier des travaux sur ce sujet dans des journaux de tout premier plan, se positionnant ainsi parmi les meilleurs spécialistes de ce sujet au niveau international. Le second groupe se consacrera à l'analyse des cDNA pleine longueur chez le melon. Ce groupe participera donc à la création de ressources génomiques importantes pour l'espèce et qui seront utiles pour la communauté des chercheurs de l'INRA ayant un intérêt pour celle-ci. Le troisième groupe propose de continuer ses activités sur la résistance virale chez les solanaceae. Ce groupe a tout à fait sa place dans l'équipe de génomique fonctionnelle des plantes cultivées et bénéficiera de tout le savoir faire de celle-ci en matière de clonage positionnel. Le comité souligne néanmoins le manque de soutien technique de ce troisième groupe, la Maître de Conférences de l'UEVE en charge de ce projet ayant en effet de lourdes charges administratives, en plus de ses charges d'enseignement.

Note de l'équipe	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A+	A+	A+	NN	A+

5 • Analyse de la vie de l'unité

- En termes de management :

Le changement de directeur est intervenu il y a un an environ. Le directeur est aidé par une directrice adjointe, directrice adjointe, qui connaît très bien le contexte de l'INRA et qui a un très bon contact avec les personnels de l'unité. Un risque existe que la directrice adjointe consacre l'essentiel de son temps aux relations institutionnelles et aux questions locales au détriment de son activité de recherche. Or elle est la seule permanente sur le programme *Génome de la vigne* pour lequel elle assure la coordination au niveau



international. Il semble donc au comité que son investissement dans la gestion collective de l'unité doit être strictement délimité si elle souhaite continuer le rôle qui est le sien dans le programme *Génome de la vigne*.

– En termes de ressources humaines :

Les effectifs globaux de l'URGV ont augmenté de manière significative au cours des dernières années. L'évolution des ressources humaines de l'unité se caractérise ainsi :

- le nombre des personnels ITA de l'unité a fortement augmenté depuis la dernière évaluation. Ces personnels représentent près de la moitié des personnels de l'unité, ils sont jeunes et de haute technicité. La question cruciale qui se pose concerne la difficulté d'assurer globalement leur promotion ;
- les chercheurs permanents sont essentiellement INRA (département Génétique et amélioration des plantes) et représentent environ un quart des personnels de l'unité ;
- le nombre des personnels CNRS a chuté fortement avec le départ de l'équipe Epigénomique à l'ENS ;
- d'une manière globale, le départ de scientifiques travaillant sur les plantes modèles n'a été qu'en partie compensé par l'arrivée du nouveau directeur de l'unité ;
- le nombre très réduit d'enseignants-chercheurs (2 MCF de l'UEVE) est à souligner. Si la jeunesse de l'unité est en partie responsable de cette situation, les incertitudes liées au contexte en sont la cause principale : lors de la rencontre avec les tutelles, la présidence de l'UEVE a clairement précisé qu'elle était prête à s'investir plus largement dans le contexte d'une UMR où elle serait partenaire.
- une augmentation forte de la proportion des personnels en CDD, croissance très largement associée au nombre croissant de contrats de recherche en génomique végétale (Géno plante et ANR), surtout sur les espèces cultivées.

Cependant, l'URGV n'est pas vraiment une structure qui favorise l'émergence de jeunes équipes dans la mesure où chaque équipe est d'emblée de taille très réduite (environ deux chercheurs permanents par équipe).

– En termes d'infrastructures :

Bien que l'unité ait pu bénéficier de nouveaux locaux, les problèmes d'espace demeurent un enjeu fort pour les personnels. L'unité est désormais distribuée dans deux bâtiments, ce qui est très regrettable pour les interactions entre équipes. Tous les thésards et post-docs ne bénéficient pas d'un bureau ou d'un ordinateur avec un accès internet. Cette situation est critique et aberrante dans un laboratoire de recherche où l'accès aux sources de données doit être une priorité, quelles que soient les difficultés conjoncturelles : des solutions doivent impérativement être trouvées dans un délai très rapide, probablement avec un appui hors de l'unité.

Les questions récurrentes relatives à l'éloignement du Centre INRA de Versailles (missions, formation...) ou l'isolement relatif du site d'Evry (absence de restaurant, formalités pour personnels étrangers...) se posent toujours, malgré quelques améliorations ponctuelles.

6 • Conclusions

– Points forts :

- L'URGV a rempli les missions qui lui avaient été données lors de sa création : après avoir développé avec succès les outils nécessaires aux approches génomiques (puces ADN, banques de grands fragments, bases de données, etc.), l'URGV a su perfectionner ces outils et les utiliser pour de grands programmes de génomique structurale (en particulier pour les plantes cultivées) et fonctionnelle (compendium d'expression des gènes, analyse de larges familles de gènes, etc.). L'URGV a produit des ressources génomiques pour l'ensemble de la communauté scientifique nationale, aussi bien sur les espèces modèles et les plantes cultivées.



- Les stratégies de type génomique mises en œuvre à l'URGV ont permis de réaliser aussi bien des avancées fondamentales de tout premier plan que des travaux plus finalisés essentiels pour l'amélioration des plantes.
- L'URGV représente un pôle de référence en génomique végétale unique comparé à d'autres Instituts de recherche sur les plantes en France et en Europe.

– Points à améliorer :

- Le comité souhaite souligner la situation préoccupante, en terme de possibilité de recherche, des deux enseignants chercheurs de l'UEVE qui ont de lourdes charges d'enseignement et administratives au sein de leur établissement. Une possibilité serait de leur apporter un soutien technique, même partiel ;
- Les questions d'espace et d'accès à internet sont un vrai problème dans l'unité, en particulier pour les thésards et post-docs. La nouvelle direction doit prendre la mesure de l'ensemble des questions soulevées par les personnels, qui sont très pénalisantes au quotidien, et chercher à y apporter des solutions.

– Recommandations :

- Le comité encourage l'URGV à poursuivre la dynamique scientifique engagée, en cherchant à améliorer la synergie au sein des équipes et en élargissant sa vocation internationale (par exemple au travers d'un programme international de formation des doctorants et en contribuant à améliorer l'accueil des étudiants étrangers) ;
- Pour plusieurs équipes de l'URGV, la difficulté réside certainement dans un choix pertinent d'un nombre limité de questions biologiques sur lesquelles focaliser les efforts. Plusieurs équipes doivent réfléchir à leur organisation afin d'être en mesure d'atteindre les objectifs liés aux missions spécifiques de l'URGV. D'une manière générale, les équipes de l'URGV devront toutes faire un effort particulier pour ajuster les divers projets de recherche avec les ressources humaines qu'elles seront en mesure de mobiliser au cours du prochain contrat ;
- Si l'on considère la taille de l'unité, on ne peut qu'être frappé du faible nombre d'étudiants ayant soutenu leur thèse au cours du dernier contrat. L'URGV doit plus s'investir dans la formation doctorale. S'agissant des doctorants en cours, l'unité devrait favoriser leur intégration aux divers réseaux des jeunes chercheurs afin d'élargir leur ouverture, de participer aux doctorales ;
- L'URGV se doit de conserver son leadership actuel dans le développement des outils indispensables à l'analyse pertinente des données de puces à ADN, en développant rapidement une expertise dans le domaine du séquençage à haut débit dédié à l'étude du transcriptome afin de continuer à servir de consultant ;
- Le comité recommande à l'unité et à ses tutelles de veiller à maintenir un certain équilibre entre les recherches sur des espèces cultivées et les programmes sur des plantes modèles. Cet équilibre est clairement à l'origine du succès de l'URGV. Or les programmes de recherche sur les espèces modèles ont vu leurs moyens humains se réduire de manière significative, malgré l'arrivée du nouveau directeur. Cette situation est amplifiée dans un contexte de croissance significative des moyens pour des programmes de recherche sur les espèces cultivées ;
- Les divers partenaires de l'unité (INRA, CNRS, Génopole et UEVE) se sont organisés pour investir de manière concertée dans le cadre de l'opération scientifique réalisée pour la venue du directeur actuel. Cet exemple de coordination n'est pas unique dans l'unité, mais doit être souligné. Le comité recommande le maintien d'une implication forte des partenaires minoritaires dans la future structure. La stratégie de développement d'une biologie des systèmes sur des espèces modèles végétales devrait permettre à l'UEVE et au CNRS de renforcer leur implication dans l'unité ;



- Le comité encourage l'URGV dans la définition d'objectifs à moyen et long terme. Dans le contexte local, le choix d'une stratégie de type biologie des systèmes nous semble judicieux. Cependant, la constitution, au sein de l'unité, d'une nouvelle équipe sur ce thème ne nous semble pas optimale. L'équipe de Bioinformatique semble le meilleur endroit pour développer des outils de modélisation et son expérience de l'exercice de médiation sera cruciale pour coordonner d'une part la formalisation des questions biologiques posées, et d'autre part la connaissance que la biologie des systèmes implique.

Note de l'unité	Qualité scientifique et production	Rayonnement et attractivité, intégration dans l'environnement	Stratégie, gouvernance et vie du laboratoire	Appréciation du projet
A+	A+	A+	A	A



**Université d'Evry-Val-d'Essonne
Cabinet de la Présidence**

Affaire suivie par :

Emery Olivier
Téléphone :
01.69.47.80.46

Evry, le jeudi 16 avril 2009

Le Président de l'Université

à

Monsieur Jean-François DHAINAUT
Directeur de l'AERES

Objet : Rapport d'Evaluation de l'UMR_A 1165 – UMR 8114– S2100015512

Monsieur le Directeur,

Vous m'avez transmis le rapport d'évaluation de l'Unité de recherche en génomique végétale (URGV)» (UMR 8114; CNRS-INRA-UEVE) dirigée aujourd'hui par le Dr. Heribert HIRT. Vous trouverez ci-joints, en réponse au rapport qui lui a été adressé, les remarques et les commentaires des co-signataires de ce courrier, les Drs Heribert HIRT et Michel CABOCHE (ancien Directeur de cette unité).

Je m'associe à leurs remerciements pour la qualité de cette expertise qui reflète la somme conséquente de travail accomplie par les experts et les représentants de l'AERES.

Le comité a souligné l'excellence de cette unité et retient que "l'URGV représente un pôle de référence en génomique végétale unique comparé à d'autres Instituts de recherche sur les plantes en France et en Europe".

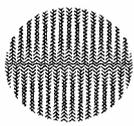
Je souscris par ailleurs à l'ensemble de l'analyse de cette Unité et prends note des recommandations émises notamment en matière d'accompagnement des Enseignants Chercheurs de cette unité. L'Université s'efforcera d'accompagner au mieux ce laboratoire dans la dynamique scientifique nouvellement engagée.

Je vous prie d'agréer, Monsieur le Directeur, l'expression de mes salutations distinguées.

Le Président de l'université
d'Evry-Val-d'Essonne

Richard MESSINA





INRA **CRS**

CENTRE NATIONAL
DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE



Heribert Hirt et Michel Caboche
URGV Plant Genomics
2, rue Gaston Crémieux, 91057 Evry Cedex

Evry, le 20-3-2009

Re : AERES
Réponse au rapport du comité d'experts

Nous avons bien reçu et étudié le rapport d'évaluation de l'URGV. Nous voulons exprimer nos remerciements à tous les membres du comité pour leur engagement et leur temps consacré à l'évaluation de l'URGV, évaluation qui s'est déroulée dans un climat constructif. Nous sommes heureux que le comité ait apprécié le travail mené depuis 4 ans à l'URGV. Les résultats et recommandations par équipe et par projet sont appréciés et vont être très utiles pour une discussion détaillée des orientations futures des recherches, une discussion est planifiée entre les chefs d'équipes. Comme le recommande le comité il nous faut recruter de nouveau personnel dans le domaine de la biologie systémique et d'intégrer et ces activités avec lesquels de l'équipe bioinformatique et statistique. Il est important de noter que les compétences pour faire un travail de modélisation des réseaux transcriptomique et protéomique sont très différentes des expertises actuelles de l'équipe bioinformatique qui concernent le domaine de l'analyse et l'annotation des génomes. L'URGV a besoin d'acquérir une expertise dans ce domaine de la modélisation si nous voulons être performants.

Bien sincèrement

Heribert Hirt
Directeur

Michel Caboche
Directeur adjoint

Institut National de la Recherche Agronomique
Centre National de la Recherche Scientifique

Établissements publics à caractère scientifique et technologique placés sous la tutelle conjointe des Ministres chargés de la Recherche et de l'Agriculture

URGV – 2 rue Gaston Crémieux – CP 5708 – 91057 EVRY cedex – France
Tél. : 33 1 60 87 45 08 – Fax : 33 1 60 87 45 10 – E-mail : hirt@evry.inra.fr